

Recuperan ADN mitocondrial de molares de mamuts colombinos, hallados en terrenos del AIFA y Tultepec

- Por primera vez, especialistas en paleogenética obtuvieron material genético de mamut colombino originario del territorio que hoy ocupa México
- El estudio identificó tres linajes de este animal en un mismo sitio: la Cuenca de México, donde posiblemente cohabitaron

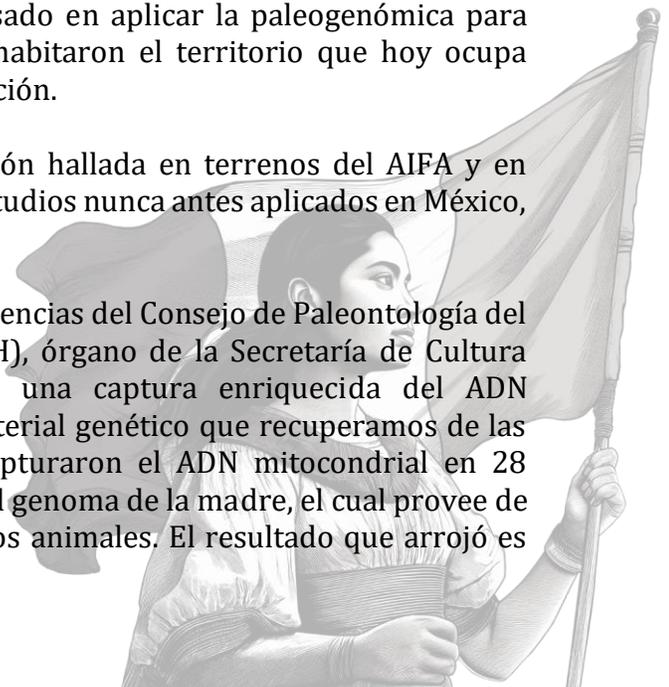
Por primera vez en el país, científicos nacionales recuperaron ADN mitocondrial de un mamut colombino (*Mammuthus columbi*), originario de la Cuenca de México, cuyo estudio descubre una marcada diferencia genética entre los ejemplares de Estados Unidos y Canadá respecto a los mexicanos, un hallazgo de relevancia para la historia evolutiva de las especies de América.

Lo anterior se logró a partir de un estudio de paleogenómica, el cual analizó 83 muestras tomadas de molares de mamuts colombinos, descubiertos en las excavaciones de los terrenos del Aeropuerto Internacional Felipe Ángeles (AIFA) y en el yacimiento de Tultepec. El material genético se extrajo con éxito en 64 de las muestras, lo que representa 77 por ciento.

Adicionalmente, se obtuvo el genoma mitocondrial en 61 de las 64 muestras de ADN, en 28 de estas con alta profundidad de cobertura, lo que permite realizar inferencias filogenéticas de alta calidad: “Un resultado extraordinario”, define el genetista Federico Sánchez Quinto, líder del grupo de Paleogenómica y Biología evolutiva del Laboratorio Internacional de Investigación sobre el Genoma Humano, UNAM, Campus Juriquilla, en Querétaro, donde se realizó la investigación, junto con un equipo interesado en aplicar la paleogenómica para entender la historia evolutiva de organismos que habitaron el territorio que hoy ocupa México, como la megafauna, y las razones de su extinción.

La riqueza de fósiles en buen estado de conservación hallada en terrenos del AIFA y en Tultepec ha permitido dicho alcance científico, con estudios nunca antes aplicados en México, en la mencionada especie, destaca el investigador.

En entrevista, luego de participar en el ciclo de conferencias del Consejo de Paleontología del Instituto Nacional de Antropología e Historia (INAH), órgano de la Secretaría de Cultura federal, el científico explicó que se logró hacer una captura enriquecida del ADN mitocondrial: “En lugar de centrarnos en todo el material genético que recuperamos de las 64 muestras, utilizamos sondas específicas que capturaron el ADN mitocondrial en 28 muestras, a alta profundidad de cobertura, es decir, el genoma de la madre, el cual provee de información filogenética del origen evolutivo de estos animales. El resultado que arrojó es



una marcada diferencia genética entre los mamuts colombinos de Estados Unidos y Canadá, respecto a los de la Cuenca de México”.

El mamut colombino, explica, fue el único endémico de América; llegó de Eurasia hace 1.5 millones de años, en la forma de mamut de la estepa y, eventualmente, evolucionó al colombino, de modo que, hace alrededor de un millón de años, ya existía el mamut con las características del colombino.

“En cuanto a datos genéticos, lo que sabíamos era solo a partir de muestras obtenidas de fósiles hallados en Canadá y Estados Unidos, y con esos datos se asumió que toda la variación genética de la especie estaba representada en dichas muestras, a pesar de que se han descubierto restos del colombino desde Norteamérica hasta Costa Rica, por lo cual, era necesario realizar un muestreo genómico geográficamente más amplio”.

Sánchez Quinto detalla que, en las 28 muestras de ADN mitocondrial de alta profundidad de cobertura se observaron tres subclaros (variación genética), y que el ancestro común de cada subclaro es bastante antiguo: “Eso quiere decir que estos linajes eran muy distintos entre sí”.

El ancestro común del subclaro uno, abunda, vivió hace 80,000 años, mientras los correspondientes a los subclaros dos y tres, hace 283,000 y 243,000 años, respectivamente. Asimismo, en cinco muestras de estos tres linajes se hicieron dataciones por radiocarbono y al estudio se agregaron las dataciones genéticas de las otras 23 muestras con alta profundidad de cobertura.

“Los resultados indican que los 28 mamuts estudiados habitaron la cuenca hacia el final del Pleistoceno, entre 13,000 y 15 a 16,000 años, cerca de la fecha en que se extinguió la megafauna en el mundo, durante el Último Máximo Glacial. En la Cuenca de México el registro fósil del mamut llega hasta hace 12,000 años, por lo que es fascinante que aquí, hacia el final del Pleistoceno, vivieran tres linajes diferentes y, probablemente, hayan cohabitado.

“En resumen, el estudio muestra que, a partir del árbol filogenético, descubrimos, al menos, dos orígenes migratorios diferentes del mamut colombino en América, y que en la Cuenca de México estamos identificando distintos linajes en un mismo sitio. Inicialmente, se había pensado que las migraciones de estos animales debieron ocurrir en un evento sencillo, del cual se habría poblado el continente, pero estos resultados indican que pudieron ser diferentes migraciones hacia América. Es sorprendente que estamos obteniendo datos genéticos en sitios donde nunca imaginamos”, expone el genetista.

Los datos de la investigación de los fósiles del AIFA y Tultepec cambian el paradigma y colocan a México en el mapa de los estudios de la historia evolutiva de especies en nuestro continente; también, demuestran la importancia de hacer muestreos en distintas latitudes, poner los ojos en otros países donde hubo presencia de la especie, para completar la historia evolutiva en América, finaliza el científico. Los resultados del estudio se enviarán a una

revista indizada con arbitraje internacional, para su revisión y publicación en un artículo científico.

---oo0oo---

Síguenos en:

Facebook: [@inahmx](#)

X Corp: [@INAHmx](#)

Instagram: [@inahmx](#)

YouTube: [INAH TV](#)

TikTok: [@inahmx](#)

Sitio web: [inah.gob.mx](#)

